

## RESUMO - PHYLOGENY AND EVOLUTION

### IDENTIFICAÇÃO DE REGIÕES HIPERVARIÁVEIS NO PLASTOMA DE COCOSEAE

*Raquel Santos Da Silva (raquelagronomia07@gmail.com)*

*Charles Roland Clement (charlesr.clement@yahoo.com.br)*

*Eduardo Balsanelli (balsanelli86@gmail.com)*

*Valter A. De Baura (Valter.baura@gmail.com)*

*Emanuel Maltempi De Souza (souzaem@ufpr.br)*

*Hugo Fraga (hugopff@gmail.com)*

*Leila Do Nascimento Vieira (leilanvieira@gmail.com)*

A família Arecaceae é amplamente distribuída entre as regiões tropicais e subtropicais do mundo e fornece vários produtos com grande importância econômica e ecológica. A subfamília Arecoideae é considerada sua maior representante e a tribo Cocoseae possui três subtribos: Attaleinae, Bactridinae e Elaeidinae, que apresentam algumas relações intergenéricas ambíguas entre si. Os genomas plastidiais são utilizados como ferramenta para estudos evolutivos, devido a sua estrutura conservada e não recombinante. Regiões hipervariáveis do genoma plastidial, podem fornecer informações para esclarecer relações filogenéticas não resolvidas. Deste modo, o objetivo foi identificar as regiões hipervariáveis no genoma plastidial de espécies das três subtribos de Cocoseae, para confirmar as relações intergenéricas e a monofília de Bactridinae. Foi realizada a identificação das regiões hipervariáveis nas três

subtribos de Cocoseae. Para identificar as regiões com maior variação foi realizada a estimativa de SV% (variação em sequência) e PIS% (sítios parcimoniosos informativos). Os plastomas das espécies da tribo Cocoseae são bem conservados, com identidade de 97,3%. A SV% e os PIS% apresentaram maior variação do que os marcadores moleculares plastidiais comumente utilizados em análises filogenéticas de palmeiras. O uso combinado das regiões plastidiais descritas e dos marcadores nucleares PRK e RPB2 tem um grande potencial para estudos filogenéticos na tribo Cocoseae. Assim, foram descritas quatro novas regiões promissoras com base nos valores de SV% e PIS%, uma nova região baseada em SV% e três novas regiões baseadas em PIS%. As análises filogenéticas apresentaram topologia idêntica e consistente dentro da tribo Cocoseae, confirmando o monofiletismo das subtribos Bactridinae e Attaleinae. Com a caracterização destas novas regiões, será possível realizar novos estudos comparativos com outras espécies de palmeiras.